

AVALIAÇÃO DA HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS ENTRE GRUPOS GENÉTICOS, UTILIZANDO-SE INFERÊNCIA BAYESIANA.

Carlos Antonio Lopes de Oliveira¹, Elias Nunes Martins², Alfredo Ribeiro de Freitas³, Maurício Mello de Alencar³

¹ Professor da Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul - Aquidauana - MS, calolive@hotmail.com.

² Professor da Universidade Estadual de Maringá - PR, enmartins@wnet.com.br

³ Pesquisadores da EMBRAPA-CPPSE, São Carlos - SP.

RESUMO: Foram estimados os componentes de variância para peso aos 365 e 550 dias, dos três grupos genéticos do processo de formação da raça Canchim, utilizando inferência bayesiana. Dois modelos foram ajustados, um modelo unicaracter, e um modelo denominado tricaracter, que considerou a expressão de cada grupo genético como uma característica diferente. Foi verificado que os três grupos genéticos formadores da raça Canchim, apresentaram variância genética aditiva homogênea. Para variância residual, os grupos genéticos 1/2 Charolês-Zebu e 3/4 Zebu-Charolês apresentaram variâncias homogêneas e discordantes do grupo genético 5/8 Charolês-Zebu.

PALAVRAS-CHAVE: componentes de variância, heterocedasticidade, características de crescimento.

Evaluation fo heterogeneity of variances in the genetic groups, using bayesian inference

ABSTRACT: The variance components were estimated for 365 and 550-day weights for three genetic groups that were the founders of Canchim breed, using bayesian inference. Two models were adjusted, a one-trait model and another three-trait model that assumed expression of each genetic group as a different trait. It was verified that of three genetic groups that were the founders of Canchim breed presented homogenous additive genetic variances. For residual variances, the genetic groups 1/2 Charolais-Zebu e 3/4 Zebu-Charolais presented homogeneous variances and different variances of the genetic group 5/8 Charolais-Zebu.

KEYWORDS: variance components, heterocedastic, growth traits.

Introdução

A amostragem de Gibbs tornou aplicável a inferência bayesiana em melhoramento animal, devido a utilização dos métodos de Monte Carlo, baseados em Cadeias de Markov (*Markov Chain Monte Carlo*) (MAGNABOSCO, 1997). Segundo Van TASSEL et al. (1995), o uso da amostragem de Gibbs, apresenta uma série de vantagens sobre os métodos frequentista hoje utilizados na estimação de componentes de (co)variância.

A heterogeneidade de variâncias dentro de níveis de efeito fixo tem sido verificada por diversos autores, em se tratando de características de gado de leite e corte (CREWS e FRANKE, 1998, TORRES, 1998, RODRIGUEZ-ALMEIDA et al., 1995, NAPOLES et al., 1999). De VEER e Van VLECK (1987) e IBAÑEZ et al. (1996) têm sugerido alguns fatores responsáveis pela heterocedasticidade como a região, ano de nascimento, nível de manejo, variabilidade genética dentro do rebanho e nível de produção. O objetivo deste trabalho foi verificar a ocorrência de variâncias heterogêneas entre os grupos genéticos formadores da raça Canchim, utilizando inferência bayesiana, aplicando-se o método de Amostragem de Gibbs.

Material e Métodos

Foi utilizado um conjunto de dados contendo informações dos animais formadores da raça Canchim, cedido pela EMBRAPA-CPPSE (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Centro de Pesquisa de Pecuária do Sudeste), São Carlos - SP. Foram estimados os componentes de (co)variância para as características quanto aos pesos aos 12 meses ajustado para 365 dias (P365) e peso aos 18 meses ajustado para 550 dias (P550), para animais 1/2 Charolês-Zebu, 3/4 Zebu-Charolês e 5/8 Charolês-Zebu, conforme o esquema de cruzamento das raças Charolesa, Indubrasil, Guzerá e Nelore, para formação da raça Canchim (VIANA, et al., 1962).

Foram realizadas análises unicaracter para peso aos 365 e 550 dias e denominadas tricaracter onde considerou-se a expressão do peso aos 365 dias e aos 550 dias nos diferentes grupos genéticos, como sendo características diferentes. Os efeitos fixos considerados nas análises foram, sexo, ano de nascimento, estação de nascimento, idade da vaca como covariável, apenas com efeito linear e grupo genético nas análises unicaracter.

Para estimação dos componentes de (co)variância, foi utilizado o programa computacional MTGSAM - *Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models* desenvolvido por Van TASSEL e Van VLECK (1995). Foram definidas cadeias de Gibbs de 220.000 ciclos, sendo eliminados os 20.000 primeiros ciclos.

Foram retiradas amostras a cada 100 ciclos, após a eliminação dos 20.000 ciclos iniciais, gerando, dessa forma, 2000 amostras das médias posteriores dos componentes de (co)variância genético aditivo e residual. Tomando-se as 2000 amostras das médias posteriores dos componentes de variância, foram construídas as distribuições destes valores para verificação da percentagem das médias posteriores dos componentes de variância genético e residual comuns aos diferentes grupos genéticos entre si e com a distribuição obtida na análise unicaracter nas características peso aos 365 e 550 dias, com o objetivo de determinar a probabilidade das estimativas estarem no mesmo intervalo.

Resultados e discussão

Para ambas características, verificou-se que a percentagem de estimativas comuns das médias posteriores da variância genética aditiva, foram altas, entre o modelo unicaracter e cada grupo genético no modelo tricaracter. O que indica que a análise unicaracter pode ser apropriada para estimação destes componentes de variância (Quadro 1).

Em relação à variância residual, para as duas características, verificou-se que o modelo unicaracter não estima de forma adequada os

componentes de variância, pois as percentagens de estimativas comuns foram baixas, considerando a análise unicaracter e o grupo genético 5/8 Charolês-Zebu, para P365, e para análise unicaracter e os grupos genéticos 1/2 Charolês-Zebu e 3/4 Zebu-Charolês na característica P550 (Quadro 1).

Tomando-se as amostras das médias posteriores da variância genética aditiva para cada grupo genético obtidas nas análises tricaracter, verificaram-se altos valores de percentagens comuns das estimativas das médias posteriores entre os três grupos genéticos, indicando a possibilidade de utilização de um modelo que não considere a existência de heterogeneidade de variâncias de origem genética entre os grupos genéticos, para as duas características em estudo.

Em se tratando da variância residual, para as duas características, verificaram-se altos valores de percentagens de estimativas comuns entre os grupos genéticos 1/2 Charolês-Zebu e 3/4 Zebu-Charolês e baixos valores de percentagens de estimativas comuns entre estes grupos genéticos e o grupo genético 5/8 Charolês-Zebu. Tais resultados indicam que as análises utilizando o modelo unicaracter não são apropriadas para a estimação da variância residual. Além disso, os resultados assinalam para a existência de variâncias residuais homogêneas entre os grupos genéticos 1/2 Charolês-Zebu e 3/4 Zebu-Charolês e de ocorrência de variâncias residuais heterogêneas entre estes grupos genéticos e o grupo genético 5/8 Charolês-Zebu.

Em gado de corte, CREWS e FRANKE (1998), verificaram heterocedasticidade para diferentes graus de sangue Brahman, para características de carcaça. Em gado de leite, NAPOLES et al., (1999) encontrou valores discordantes de variâncias genéticas aditivas e residuais para produção de leite e gordura, entre rebanhos de animais mestiços e puros da raça Gir.

CONCLUSÃO

O resultados indicaram que os grupos genéticos formadores da raça Canchim, 1/2 Charolês-Zebu, 3/4 Zebu-Charolês e 5/8 Charolês-Zebu apresentam variância genética aditiva homogênea. Em relação a variância residual, os grupos genéticos 1/2 Charolês-Zebu e 3/4 Zebu-Charolês apresentaram variâncias homogêneas e discordantes do grupo genético 5/8 Charolês-Zebu.

Referências bibliográficas

- De VEER, J. C., Van VLECK, L. D. Genetics parameters for first lactation milk yields at three levels of herd production. *Journal of Dairy Science*. V.70, n.7, p.1434-1441, 1987.
- IBAÑEZ, M. A., CARABAÑO, M. J., FOULLEY, J. L. et al., Heterogeneity of herd-period phenotypic variances in the Spanish Holstein-Friesian cattle: Sources of heterogeneity and genetic evaluation. *Livestock Production Science*, v.45, p.137-147, 1996
- MAGNABOSCO, C. U. *Estimativas de parâmetros genéticos em características de crescimento de animais da raça Nelore usando os métodos de Máxima Verossimilhança Restrita e Amostragem de Gibbs*. Ribeirão Preto, SP:USP, 1997, 83p. Tese (Doutorado em Ciências) – Universidade de São Paulo, 1997.
- COSTA, C. N., MARTINEZ, M. LUIZ., VERNEQUE, R. S., TEODORO R. L. Heterogeneidade de (co)variâncias para as produções de leite e de gordura entre rebanhos puros e mestiços da raça Gir. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 36, 1999, Porto Alegre. *Anais ...* Porto Alegre:SBZ, 1999.
- RODRIGUEZ-ALMEIDA, Van VLECK, L. D., CUNDIFF, L. V. et al., Heterogeneity of variance by sire breed, sex, and Dam breed in 200 and 365-day weights of beef cattle from a top cross experiment. *Journal Animal Science*, v. 73, p.2579-2588, 1995.
- TORRES, R. A. *Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça holandesa no Brasil*. Belo Horizonte, MG:UFMG, 1998, 124p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) – Universidade Federal de Minas Gerais, 1998.
- Van TASSEL, C. P., CASELLA, G., POLLAK, E. J. Effects of selection on estimates of variance components using gibbs sampling and restricted maximum likelihood. *Journal Dairy Science*, v. 78, p.678-692, 1995.
- Van TASSEL, C. P., Van VLECK, L. D. *A manual for use of MTGSAM. A set of fortran programs to apply gibbs sampling to animal models for variance component estimation*. (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture/Agricultural Research Service, 1995. 86p.
- VIANA, A. T., SANTIAGO, M., GOMES, F. P. *Formação do gado Canchim pelo cruzamento Charolês-Zebu*. Rio de Janeiro: Estudos Técnicos, n° 19. SAI, 1962.

QUADRO 1 - Percentagem de médias posteriores dos componentes de variância comuns, nas análises unicaracter e tricaracter, para as características peso aos 365 e 550 dias

Intervalos	Peso aos 365 dias		Peso aos 550 dias	
	Variância genética aditiva	Variância residual	Variância genética aditiva	Variância residual
Uni ¹ – GG1 ²	0,8978	0,8866	0,7557	0,1133
Uni – GG2 ³	0,995	0,7171	0,995	0,0011
Uni – GG3 ⁴	0,7761	0,1263	0,924	0,7985
GG1 – GG2	0,9725	0,9935	0,89	0,9925
GG1 – GG3	0,8291017	0,2716	0,68	0,150252
GG2 – GG3	0,9380	0,03995	0,8964	0,029948

1. Médias posteriores obtidas nas análises unicaracter. 2, 3 e 4. Médias posteriores obtidas nas análises tricaracter, dos grupos genéticos, 1/2 Charolês-Zebu, 3/4 Zebu-Charolês e 5/8 Charolês-Zebu, respectivamente.